

## PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(11)Publication number : 07-298879

(43) Date of publication of application : 14.11.1995

(51)Int.Cl.

C12N 9/12  
C12N 1/21  
C12N 15/09  
/(C12N 9/12  
C12R 1:19 )  
(C12N 1/21  
C12R 1:19 )

(21)Application number : 06-095109

(71)Applicant : TOYOBO CO LTD

(22)Date of filing : 09.05.1994

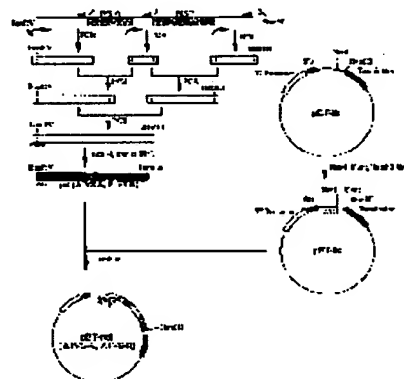
(72)Inventor : IMANAKA TADAYUKI  
TAKAGI MASAHIRO  
MORIKAWA MASAAKI  
KAKIHARA HIROBUMI

(54) DNA POLYMERASE GENE DERIVED FROM ULTRATHERMOPHILIC PROTOBACTERIUM AND ITS USE

**(57)Abstract:**

**PURPOSE:** To obtain a DNA polymerase having heat resistance, excellent in thermal stability and stability to organic solvents, also excellent in the accuracy in its nucleic acid incorporation, thus useful for DNA sequence determination and polymerase chain reaction.

**CONSTITUTION:** This DNA polymerase is derived from ultrathermophilic protobacterium KOD1, having a molecular weight of about 86–92Kda and presenting high thermally stable DNA polymerase activity. This DNA polymerase is obtained by culturing recombinant host cells transformed by using a DNA recombinant manifestation vector (e.g. pET–pol) which is prepared by introducing an isolated DNA coding this DNA polymerase into e.g. a pET–8c– derived vector. The construction diagram for the DNA recombinant manifestation vector is illustrated.



## LEGAL STATUS

[Date of request for examination] 01.07.1999

[Date of sending the examiner's decision of rejection]

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number] 3132624

[Date of registration] 24.11.2000

[Number of appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of extinction of right]

Copyright (C); 1998,2000 Japan se Patent Offic

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平7-298879

(43) 公開日 平成7年(1995)11月14日

(51) Int.Cl. <sup>6</sup>	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C 1 2 N 9/12				
1/21		8828-4B		
15/09	Z N A			
// (C 1 2 N 9/12		9281-4B	C 1 2 N 15/ 00	Z N A A
		審査請求	未請求	請求項の数16 O L (全 20 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号 特願平6-95109

(22) 出願日 平成6年(1994)5月9日

特許法第30条第1項適用申請有り 平成5年11月10日、  
社団法人日本生物工学会発行の「平成5年度日本生物工  
学会大会講演要旨集」に発表

(71) 出願人 000003160

東洋紡績株式会社

大阪府大阪市北区堂島浜2丁目2番8号

(72) 発明者 今中 忠行

大阪府吹田市藤白台2-28-11

(72) 発明者 高木 昌宏

大阪府吹田市青山台1-3 C-58-207

(72) 発明者 森川 正章

大阪府箕面市小野原東5丁目4-12-406

(72) 発明者 柿原 博文

滋賀県草津市東矢倉2-19-16

(54) 【発明の名称】 超好熱始原菌由来のDNAポリメラーゼ遺伝子およびその用途

(57) 【要約】

【目的】 新規な耐熱性DNAポリメラーゼを提供する。

【構成】 超好熱始原菌であるKOD1から耐熱性DNAポリメラーゼをコードする遺伝子をクローニングし、さらに大腸菌にて発現可能な遺伝子を得て、T7プロモーターで誘導可能なプラスミドベクターに挿入し、該プラスミドベクターで大腸菌を形質転換する耐熱性DNAポリメラーゼの製造法および精製法。

## 【特許請求の範囲】

【請求項1】 超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼ。

【請求項2】 分子量が約86～92Kdaであることを特徴とする請求項1記載のDNAポリメラーゼ。

【請求項3】 組換え宿主細胞を用いて生産されたことを特徴とする請求項1記載のDNAポリメラーゼ。

【請求項4】 配列番号2に記載されるアミノ酸配列を含有することを特徴とする請求項1記載のDNAポリメラーゼ。

【請求項5】 超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼをコードする単離されたDNA。

【請求項6】 配列番号2に記載されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を含有することを特徴とする請求項5に記載される単離されたDNA。

【請求項7】 配列番号3に記載される塩基配列またはその一部分を含有することを特徴とする請求項5に記載される単離されたDNA。

【請求項8】 請求項5に記載されたDNAをベクターに挿入したDNA組換え発現ベクター。

【請求項9】 ベクターがpET-8c由来のベクターであることを特徴とする請求項8記載のDNA組換え発現ベクター（pET-pol）。

【請求項10】 請求項8に記載されるDNA組換え発現DNAベクターを用いて形質転換された組換え宿主細胞。

【請求項11】 宿主細胞が大腸菌であることを特徴とする請求項8記載の組換え宿主細胞。

【請求項12】 請求項10に記載される組換え宿主細胞を培養し、培養物からDNAポリメラーゼを採取することを特徴とする超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼの製造法。

【請求項13】 請求項10に記載される組換え宿主細胞を培養し、（a）該組換え宿主細胞を集めた後、破碎し、細胞抽出物を調製し、（b）組換え宿主細胞由来の不純蛋白質を除去する工程を含むことを特徴とする超好熱始原菌KOD1由来DNAポリメラーゼを精製する方法。

【請求項14】 組換え宿主細胞を破碎する方法が、超音波処理であることを特徴とする請求項13記載の超好熱始原菌KOD1由来DNAポリメラーゼを精製する方法。

【請求項15】 組換え宿主細胞由来の不純蛋白質を除去する工程が高温熱処理であることを特徴とする請求項13記載の超好熱始原菌KOD1由来DNAポリメラーゼを精製する方法。

【請求項16】 高温熱処理条件が、70℃以上、好ましくは90℃以上であることを特徴とする請求項15記載の超好熱始原菌KOD1由来DNAポリメラーゼを精製する方法。

## 【発明の詳細な説明】

## 【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は新規な超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼおよび該ポリメラーゼをコードする遺伝子ならびに該遺伝子を使用するDNAポリメラーゼの製造法に関する。

## 【0002】

【従来の技術】 従来から大腸菌のような中温性細菌由来のDNAポリメラーゼおよび中温性細菌に感染するファージ由来のDNAポリメラーゼに関しては、既に多くの研究がなされている。また最近、ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）等の核酸増幅を用いる組換えDNA技術に有用な耐熱性DNAポリメラーゼに関する研究も多くなされている。PCR反応に用いられる耐熱性DNAポリメラーゼとしては、主としてサーマス・サーモフィラス（*Thermus thermophilus*）由来のDNAポリメラーゼ（Tthポリメラーゼ）や、サーマス・アクアチカス（*Thermus aquaticus*）由来のDNAポリメラーゼ（Taqポリメラーゼ）などが用いられてきた。

## 【0003】

【発明が解決しようとする課題】 しかしながら、従来知られている耐熱性DNAポリメラーゼには、耐熱性を有するものの、その熱安定性や、有機溶媒に対する安定性に若干、問題を残している。また、核酸の取り込みの際の正確性にも欠ける点があり、DNA配列決定やポリメラーゼ連鎖反応にこれらの酵素を用いるに当たり、解決すべき課題が残っている。そのため、これらの欠点を解消する新規な耐熱性DNAポリメラーゼが待ち望まれていた。またピロコッカス・フリオサス（*Pyrococcus furiosus*）由来の耐熱性DNAポリメラーゼ（Pfuポリメラーゼ、W092/09689、特開平5-328969号公報）、サーモコッカス・リトラリス（*Thermococcus litoralis*）由来の耐熱性DNAポリメラーゼ（Tliポリメラーゼ、特開平6-7160号公報）なども知られている。しかしながら、これらの熱安定性DNAポリメラーゼは、核酸の取り込みの際の正確性はTaq DNAポリメラーゼやTth DNAポリメラーゼに比べ優れているが、完全なものではなく新規な耐熱性DNAポリメラーゼが望まれていた。

## 【0004】

【課題を解決するための手段】 本発明者らは熱安定性DNAポリメラーゼを生産する新規な超好熱始原菌の1種を得ることに成功し、さらにその遺伝子を解明して、本発明に到達した。すなわち本発明は超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼである。

【0005】 また本発明は超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼをコードする単離されたDNAである。

【0006】 さらに本発明は超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼをコードする単離されたDNAをベクターに挿入したDNA組換え発現ベクターである。

【0007】また本発明は超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼをコードする単離されたDNAをベクターに挿入したDNA組換え発現ベクターを用いて形質転換された組換え宿主細胞である。

【0008】本発明は超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼをコードする単離されたDNAをベクターに挿入したDNA組換え発現ベクターを用いて形質転換された組換え宿主細胞を培養し、培養物から培養物からDNAポリメラーゼを採取することを特徴とする超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼの製造法である。

【0009】また本発明は超好熱始原菌KOD1由来の

細胞形態  
生育温度範囲  
最適生育温度  
生育pH範囲  
最適pH  
最適塩濃度  
栄養要求性  
酸素要求性  
細胞膜脂質  
DNAのGC含量

【0011】超好熱始原菌KOD1株は、直径約1 $\mu$ mの球菌であり、複数の極鞭毛を有していた。この菌株は菌学的性質からPfuDNAポリメラーゼ生産菌(Pyrococcus furiosus)およびTli(Vent)DNAポリメラーゼ生産菌(Thermococcus litoralis)との菌縁関係が示唆された。

【0012】本発明の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子のクローニングは、以下の方法により行う。クローニングの方法は、PfuDNAポリメラーゼの保存領域アミノ酸配列(Nucleic Acids Research, 1993, vol.21, No.2, 259-265)に基づき、プライマーを設計し、合成する。

【0013】まず超好熱始原菌KOD1株の染色体DNAを鋳型に、上記調製したプライマー(例、配列番号4と5)を用いてPCR反応を行い、DNA断片を増幅させる。増幅された断片のDNA配列(例、配列番号6)を決定し、当初設定したアミノ酸配列をコードしていることを確認後、該断片をプローブとし、染色体DNAの制限酵素切断産物に対し、サザンハイブリダイゼーションを実施する。目的とするDNAポリメラーゼ遺伝子を含む断片のおおよその大きさを約4~7Kbpに限定することが好ましい。

【0014】更に、約4~7KbpのDNA断片をゲルから回収し、これを用いて、大腸菌にてDNAライブラリーを作製し、上記記載のPCR増幅DNA断片(例、配列番号6)をプローブにコロニーハイブリダイゼーションを行い、クローン株を取得する。

【0015】本発明においてクローン化したKOD1株

DNAポリメラーゼをコードする単離されたDNAをベクターに挿入したDNA組換え発現ベクターを用いて形質転換された組換え宿主細胞を培養し、(a)該組換え宿主細胞を集めた後、破碎し、細胞抽出物を調製し、

(b)組換え宿主細胞由来の不純蛋白質を除去する工程を含むことを特徴とする超好熱始原菌KOD1由来DNAポリメラーゼを精製する方法である。

【0010】本発明において使用する超好熱始原菌の1種であるKOD1は、鹿児島県小宝島の硫気坑から単離した菌株である。該菌株の菌学的性質を以下に記載する。

球菌・二球菌、鞭毛あり

65~100℃

95℃

5~9

6

2~3%

従属栄養

嫌気性

エーテル型

38%

のDNAポリメラーゼ遺伝子は5010塩基(推定アミノ酸1670個)から構成されている(配列番号1)。他のDNAポリメラーゼと比較したところ、本発明の遺伝子には真核生物型である $\alpha$ DNAポリメラーゼの保存領域、Region1~5が存在している。また該遺伝子のN末端側に3'→5'エキソヌクレアーゼモチーフであるEXO1, 2, 3が存在している。超好熱始原菌KOD1株由来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子の保存領域、Region1, 2内には、各々介在配列が存在しており、かつオープンリーディングフレーム(ORF)の保存された形でつながっている。

【0016】超好熱始原菌KOD1株の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子を、既知酵素であるピロコッカス・フリオサス(Pyrococcus furiosus)由来のPfuDNAポリメラーゼ遺伝子(特開平5-328969号公報)、及びサーモコッカス・リトラリス(Thermococcus litoralis)由来のTli(Vent)DNAポリメラーゼ遺伝子(特開平6-7160号公報)と比較すると、本発明のKOD1株の遺伝子には介在配列が存在するが、上記PfuDNAポリメラーゼの遺伝子には介在配列は存在せず、またTliDNAポリメラーゼ遺伝子には、2種の介在配列が存在するものの、その存在箇所は各々保存領域であるRegion2, 3の内であり、本発明のKOD1株の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子内の介在配列の存在箇所とは大きく異なっている(図4参照)。

【0017】本発明の遺伝子は超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼをコードするDNAである。該DNAの一例は配列番号1または2に記載されるアミノ

酸配列をコードする塩基配列を含有する。また、このようなDNAは配列番号1または3に記載される塩基配列またはその一部分を含有する。本発明の超好熱始原菌KOD1株由来の耐熱性DNAポリメラーゼを大腸菌で発現させるため、配列番号1に示される塩基配列の1374~2453bp、2708~4316bpの介在配列をPCR遺伝子融合法により取り除き、完全な形のDNAポリメラーゼ遺伝子を構築する。具体的には、介在配列を含むクローン化した遺伝子を3組のプライマーの組み合わせによりPCR反応を行い、介在配列により分断される3断片を増幅する。ここで使用するプライマーを設計する際、その末端に結合すべき断片の一部をその5'端に含ませておく。次いで、結合すべき断片同志を用いてその末端の重複する配列を利用してPCR反応を行い、各々断片を結合する。更に得られた2種の断片を用い同様にPCR反応を行い、介在配列を含まないKOD1株由来のDNAポリメラーゼ遺伝子を含まない、完全な形のDNAポリメラーゼ遺伝子を得る。

【0018】本発明において使用するベクターは、KOD1由来の耐熱性DNAポリメラーゼのクローニングおよび発現を可能とするものであれば、いかなるものでもよく、例えばファージおよびプラスミドが挙げられる。プラスミドとしては、T7プロモーターで誘導発現が可能なプラスミドベクター、例えばpET-8cなどを挙げることができる。また別なプラスミドの例としては、pUC19、pBR322、pBluescript、pSP73、pGW7、pET3A、pET11Cなどがある。ファージとしては、たとえばλgt11、λDASH、λZapIなどが挙げられる。本発明において使用する宿主細胞としては、大腸菌、酵母などが挙げられる。大腸菌としては、例えばJM109、101、XL1、PR1、BL21(DE3)plysSなどが挙げられる。本発明では上記KOD1由来の耐熱性DNAポリメラーゼをコードする遺伝子を上記ベクターに挿入して組換え発現ベクターとし、更に、この組換え発現ベクターにて宿主細胞を形質転換する。

【0019】本発明の製造法では、上記組換え宿主細胞を培養して、KOD1株由来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子を誘導発現させる。組換え宿主細胞の培養に使用する培地ならびに条件は常法に従う。具体例としては、KOD1株由来の介在配列を含まない完全な形のDNAポリメラーゼ遺伝子を含むpET-8cプラスミドにより形質転換された大腸菌を、例えばTB培地にて培養し、誘導処理する。T7プロモーターの誘導処理はイソプロピオチン-β-D-ガラクトシドの添加により行なうことが好ましい。

【0020】本発明の精製法では、組換え宿主細胞を培養した後、(a)組換え宿主細胞を集めた後、破碎し、細胞抽出物を調製し、(b)宿主細胞由来の不純蛋白質を除去する工程を含む。組換え宿主細胞より産出された

耐熱性DNAポリメラーゼは、宿主菌体を培地で培養・誘導処理後、培養液から遠心分離等にて分離・回収する。該菌体を緩衝液に再懸濁した後、超音波処理、ダイノミル・フレンチプレス等により菌体を破碎する。次いで、熱処理を実施し、上清より耐熱性DNAポリメラーゼを回収する。菌体破碎方法は、超音波処理、ダイノミル・フレンチプレス法などが好ましい。宿主細胞由来の不純タンパク質を除去する工程の1つとして、熱処理が好ましい。熱処理条件は70℃以上、好ましくは90℃以上である。他の不純タンパク質の除去法としては各種クロマトグラフィーなどを実施する。

【0021】この様にして取得した超好熱始原菌KOD1株由来の耐熱性DNAポリメラーゼの分子量は、約90kDaである(図2参照)。

【0022】また、この耐熱性DNAポリメラーゼを用いポリメラーゼ連鎖反応を実施すると、十分な目的DNA断片の増幅が確認される(図3参照)。

【0023】

【発明の効果】本発明により取得される超好熱始原菌由来のDNAポリメラーゼは、高い熱安定性を有し、ポリメラーゼ連鎖反応等に適した酵素である。

【0024】

【実施例】次に本発明を実施例を用いて説明する。

実施例1

超好熱始原菌KOD1株由来DNAポリメラーゼ遺伝子のクローニング

鹿児島県小宝島にて単離した超好熱始原菌KOD1株を95℃にて培養後、菌体を回収した。得られた菌体から常法に従い超好熱始原菌KOD1株の染色体DNAを調製した。Pyrococcus furiosus 由来のDNAポリメラーゼ(Pfuポリメラーゼ)の保存領域アミノ酸配列に基づき、2種のプライマー(5'-GGATTAGTATAGTCCAATGGAA GGCGAC-3'(配列番号4)、5'-GAGGCGGAAGTTTATTCGAGCTT-3'(配列番号5))を合成した。この2種のプライマーを使用し、調製した染色体DNAを鋳型として、PCR反応を行った。

【0025】PCR増幅DNA断片の塩基配列(配列番号6)を決定し、アミノ酸配列(配列番号7)を決定した後、この増幅DNA断片をプローブとして、KOD1株染色体DNA制限酵素処理産物に対してサザンハイブリダイゼーションを行い、DNAポリメラーゼをコードする断片のサイズを求めた(約4~7Kbp)。さらに、この大きさのDNA断片をアガロースゲルから回収し、プラスミドpBS(ストラタジーン社製)に挿入し、これらの混合物により大腸菌(E.coli JM109)を形質転換して、ライブラリーを作製した。サザンハイブリダイゼーションに使用したプローブ(配列番号6)を用いて、コロニーハイブリダイゼーションを行い、上記ライブラリーから、KOD1株由来のDNAポリメラーゼ遺伝子を含有すると考えられるクローン株(E.coli JM109/

pBSKOD1)を取得した。

#### 【0026】実施例2

##### クローン断片の塩基配列の決定

実施例1で取得したクローン株、*E. coli* JM109/pBSKOD1よりプラスミド、BSKOD1を回収し、常法に従い塩基配列(配列番号1)を決定した。さらに求められた塩基配列からアミノ酸配列を推定した。KOD1株由来のDNAポリメラーゼ遺伝子は5010塩基からなり、1670個のアミノ酸がコードされていた。

#### 【0027】実施例3

##### 組換え発現ベクターの構築

完全なポリメラーゼ遺伝子を作成するため、2箇所の介在配列部分(1374~2453bp、2708~4316bp)をPCR融合法により取り除いた。PCR融合法では、クローン株より回収したプラスミドを鋳型に、3組のプライマー(配列番号8~13)を組み合わせて、各々PCRを行い、介在配列を除いた3断片を増幅した。この際、PCRに用いるプライマーは、他の断片と結合する側に結合相手と同様な配列がくるように設計した。また、両端には別々の制限酵素サイト(N末端側:*EcoRV*、C末端側:*BamHI*)が創出されるように設計した。次いで、PCR増幅断片中、構造上中央に位置する断片と、N末端側に位置する断片を混合し、PCRを各々の断片をプライマーとして行った。また、同様に構造上、中央に位置する断片と、C末端側に位置する断片を混合し、PCRを各々の断片をプライマーとして行った。このようにして得られた2種の断片を用いて再度PCRを行い、介在配列が取り除かれ、N末端に*EcoRV*、C末端に*BamHI*サイトを有するKOD1株由来のDNAポリメラーゼをコードする完全な形の遺伝子断片を取得した。更に、同遺伝子をT7プロモーターで誘導可能な発現ベクター、pET-8cの*NcoI*/*BamHI*サイト、先に創出した制限酵素サイトを利用し、サブクローニングして、組換え発現ベクター(pET-pol)を得た。

#### 【0028】実施例4

##### KOD1由来DNAポリメラーゼの発現と精製

実施例3で取得した組換え発現ベクター(pET-pol)を用いて大腸菌(*E. coli* JM109)を形質転換し、得られた形質転換体をTB培地(Molecular Cloning, p.A.2, 1989に記載)で培養し、集菌1時間前にT7プロモーターの誘導処理をイソプロピオチ-β-D-ガラクトシドの添加により行った。培養液より菌体を遠心分離により回収した。緩衝液に再懸濁した後、超音波処理によって菌体を破碎し、細胞抽出物を得た。さらに宿主細胞由来の不純タンパク質を除去するために、細胞破碎液を94℃にて20分間処理し、宿主細胞由来の不純タンパク質を不溶化した。不溶画分を遠心分離して除去し、KOD1株由来の耐熱性DNAポリメラーゼを得た。

#### 【0029】実施例5

##### KOD1由来耐熱性DNAポリメラーゼの精製

実施例4で得られたKOD1由来耐熱性DNAポリメラーゼの分子量をSDS-PAGE法によって求めたところ、約86~92kDaであった(図2)。また、実施例4で得たKOD1由来の耐熱性DNAポリメラーゼと既知の鋳型・プライマーを用いてPCRを実施したところ、サーモコッカス・リトラリス(*Thermococcus litoralis*)由来の耐熱性DNAポリメラーゼを用いた場合と同様に標的とするDNA断片が確認され(図3)、高い熱安定性DNAポリメラーゼ活性が確認された。

#### 【0030】比較例1

本発明の超好熱始原菌KOD1と類縁菌であると思われるピロコッカス・フリオサス(*Pyrococcus furiosus*)またはサーモコッカス・リトラリス(*Thermococcus litoralis*)由来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子との比較  
本発明の超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメラーゼ遺伝子(配列番号3)、ピロコッカス・フリオサス(*Pyrococcus furiosus*)由来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子(特開平5-328969号公報)、サーモコッカス・リトラリス(*Thermococcus litoralis*)由来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子(特開平6-7160号公報)のDNA配列からアミノ酸配列を推定し、比較検討した。本発明のKOD1由来のDNAポリメラーゼは、真核生物型であるαDNAポリメラーゼの保存領域であるRegion1~5が存在していた。またN末端側には3'→5'エキソヌクレアーゼモチーフであるEXO1, 2, 3が存在していた。しかし、αDNAポリメラーゼ保存領域Region1とRegion2の内には、各々介在配列IVS-A、IVS-Bが存在していた(図4参照)。一方、ピロコッカス・フリオサス(*Pyrococcus furiosus*)由来の耐熱性DNAポリメラーゼであるPfuポリメラーゼには介在配列が存在しなかった。またサーモコッカス・リトラリス(*Thermococcus litoralis*)由来の耐熱性DNAポリメラーゼであるVentポリメラーゼでは、αDNAポリメラーゼ保存領域Region2とRegion3の内に、介在配列IVS1とIVS2が認められた(図4参照)。

#### 【0031】

##### 【配列表】

配列番号1

配列の長さ: 5342

配列の型: 核酸(DNA)

鎖の数: 2本鎖

トロポジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA

起源: 超好熱始原菌

株名: KOD1

配列の特徴

156-5165 P CDS

1374-2453 介在配列

2708-4316 介在配列

## 配列

GCTTGAGGGC	CTGCGGTTAT	GGGACGTTGC	AGTTTGCGCC	TACTCAAAGA	TGCCGGTTTT	60	
ATAACGGAGA	AAAATGGGGA	GCTATTACGA	TCTCTCCTTG	ATGTGGGGTT	TACAATAAAG	120	
CCTGGATTGT	TCTACAAGAT	TATGGGGGAT	GAAAG	ATG	ATC CTC GAC ACT GAC	173	
Met Ile Leu Asp Thr Asp							
1			5				
TAC	ATA	ACC	GAG	GAT	GGA AAG CCT GTC	ATA AGA ATT TTC AAG AAG GAA	221
Tyr	Ile	Thr	Glu	Asp	Gly Lys Pro Val	Ile Arg Ile Phe Lys Lys Glu	
10		15		20			
AAC	GGC	GAG	TTT	AAG	ATT GAG TAC GAC	CGG ACT TTT GAA CCC TAC TTC	269
Asn	Gly	Glu	Phe	Lys	Ile Glu Tyr	Asp Arg Thr Phe Glu Pro Tyr Phe	
25		30		35			
TAC	GCC	CTC	CTG	AAG	GAC GAT TCT GCC	ATT GAG GAA GTC AAG AAG ATA	317
Tyr	Ala	Leu	Leu	Lys	Asp Asp Ser	Ala Ile Glu Glu Val Lys Lys Ile	
40		45		50			
ACC	GCC	GAG	AGG	CAC	GGG ACG GTT	GTA ACG GTT AAG CGG GTT GAA AAG	365
Thr	Ala	Glu	Arg	His	Gly Thr	Val Val Thr Val Lys Arg Val Glu Lys	
55		60		65		70	
GTT	CAG	AAG	AAG	TTC	CTC GGG AGA CCA	GTT GAG GTC TGG AAA CTC TAC	413
Val	Gln	Lys	Lys	Phe	Leu Gly Arg	Pro Val Glu Val Trp Lys Leu Tyr	
75		80		85			
TTT	ACT	CAT	CCG	CAG	GAC GTC CCA GCG	ATA AGG GAC AAG ATA CGA GAG	461
Phe	Thr	His	Pro	Gln	Asp Val	Pro Ala Ile Arg Asp Lys Ile Arg Glu	
90		95		100			
CAT	GGA	GCA	GTT	ATT	GAC ATC TAC GAG	TAC GAC ATA CCC TTC GCC AAG	509
His	Gly	Ala	Val	Ile	Asp Ile	Tyr Glu Tyr Asp Ile Pro Phe Ala Lys	
105		110		115			
CGC	TAC	CTC	ATA	GAC	AAG GGA TTA GTG	CCA ATG GAA GGC GAC GAG GAG	557
Arg	Tyr	Leu	Ile	Asp	Lys Gly	Leu Val Pro Met Glu Gly Asp Glu Glu	
120		125		130			
CTG	AAA	ATG	CTC	GCC	TTC GAC ATT CAA	ACT CTC TAC CAT GAG GGC GAG	605
Leu	Lys	Met	Leu	Ala	Phe Asp	Ile Gln Thr Leu Tyr His Glu Gly Glu	
135		140		145		150	
GAG	TTC	GCC	GAG	GGG	CCA ATC CTT	ATG ATA AGC TAC GCC GAC GAG GAA	653
Glu	Phe	Ala	Glu	Gly	Pro Ile	Leu Met Ile Ser Tyr Ala Asp Glu Glu	
155		160		165			
GGG	GCC	AGG	GTG	ATA	ACT TGG AAG AAC	GTG GAT CTC CCC TAC GTT GAC	701
Gly	Ala	Arg	Val	Ile	Thr Trp	Lys Asn Val Asp Leu Pro Tyr Val Asp	
170		175		180			
GTC	GTC	TCG	ACG	GAG	AGG GAG ATG	ATA AAG CGC TTC CTC CGT GTT GTG	749
Val	Val	Ser	Thr	Glu	Arg Glu	Met Ile Lys Arg Phe Leu Arg Val Val	
185		190		195			
AAG	GAG	AAA	GAC	CCG	GAC GTT CTC	ATA ACC TAC AAC GGC GAC AAC TTC	797
Lys	Glu	Lys	Asp	Pro	Asp Val	Leu Ile Thr Tyr Asn Gly Asp Asn Phe	
200		205		210			
GAC	TTC	GCC	TAT	CTG	AAA AAG CGC	TGT GAA AAG CTC GGA ATA AAC TTC	845
Asp	Phe	Ala	Tyr	Leu	Lys Lys	Arg Cys Glu Lys Leu Gly Ile Asn Phe	
215		220		225		230	
GCC	CTC	GGA	AGG	GAT	GGA AGC	GAG CCG AAG ATT CAG AGG ATG GGC GAC	893

Ala Leu Gly Arg Asp Gly Ser Glu Pro Lys Ile Gln Arg Met Gly Asp	
235 240 245	
AGG TTT GCC GTC GAA GTG AAG GGA CGG ATA CAC TTC GAT CTC TAT CCT	941
Arg Phe Ala Val Glu Val Lys Gly Arg Ile His Phe Asp Leu Tyr Pro	
250 255 260	
GTG ATA AGA CGG ACG ATA AAC CTG CCC ACA TAC ACG CTT GAG GCC GTT	989
Val Ile Arg Arg Thr Ile Asn Leu Pro Thr Tyr Thr Leu Glu Ala Val	
265 270 275	
TAT GAA GCC GTC TTC GGT CAG CCG AAG GAG AAG GTT TAC GCT GAG GAA	1037
Tyr Glu Ala Val Phe Gly Gln Pro Lys Glu Lys Val Tyr Ala Glu Glu	
280 285 290	
ATA ACA CCA GCC TGG GAA ACC GGC GAG AAC CTT GAG AGA GTC GCC CGC	1085
Ile Thr Pro Ala Trp Glu Thr Gly Glu Asn Leu Glu Arg Val Ala Arg	
295 300 305 310	
TAC TCG ATG GAA GAT GCG AAG GTC ACA TAC GAG CTT GGG AAG GAG TTC	1133
Tyr Ser Met Glu Asp Ala Lys Val Thr Tyr Glu Leu Gly Lys Glu Phe	
315 320 325	
CTT CCG ATG GAG GCC CAG CTT TCT CGC TTA ATC GGC CAG TCC CTC TGG	1181
Leu Pro Met Glu Ala Gln Leu Ser Arg Leu Ile Gly Gln Ser Leu Trp	
330 335 340	
GAC GTC TCC CGC TCC AGC ACT GGC AAC CTC GTT GAG TGG TTC CTC CTC	1229
Asp Val Ser Arg Ser Ser Thr Gly Asn Leu Val Glu Trp Phe Leu Leu	
345 350 355	
AGG AAG GCC TAT GAG AGG AAT GAG CTG GCC CCG AAC AAG CCC GAT GAA	1277
Arg Lys Ala Tyr Glu Arg Asn Glu Leu Ala Pro Asn Lys Pro Asp Glu	
360 365 370	
AAG GAG CTG GCC AGA AGA CGG CAG AGC TAT GAA GGA GGC TAT GTA AAA	1325
Lys Glu Leu Ala Arg Arg Arg Gln Ser Tyr Glu Gly Gly Tyr Val Lys	
375 380 385 390	
GAG CCC GAG AGA GGG TTG TGG GAG AAC ATA GTG TAC CTA GAT TTT AGA	1373
Glu Pro Glu Arg Gly Leu Trp Glu Asn Ile Val Tyr Leu Asp Phe Arg	
395 400 405	
TGC CAT CCA GCC GAT ACG AAG GTT GTC GTC AAG GGG AAG GGG ATT ATA	1421
Cys His Pro Ala Asp Thr Lys Val Val Val Lys Gly Lys Gly Ile Ile	
410 415 420	
AAC ATC AGC GAG GTT CAG GAA GGT GAC TAT GTC CTT GGG ATT GAC GGC	1469
Asn Ile Ser Glu Val Gln Glu Gly Asp Tyr Val Leu Gly Ile Asp Gly	
425 430 435	
TGG CAG AGA GTT AGA AAA GTA TGG GAA TAC GAC TAC AAA GGG GAG CTT	1517
Trp Gln Arg Val Arg Lys Val Trp Glu Tyr Asp Tyr Lys Gly Glu Leu	
440 445 450	
GTA AAC ATA AAC GGG TTA AAG TGT ACG CCC AAT CAT AAG CTT CCC GTT	1565
Val Asn Ile Asn Gly Leu Lys Cys Thr Pro Asn His Lys Leu Pro Val	
455 460 465 470	
GTT ACA AAG AAC GAA CGA CAA ACG AGA ATA AGA GAC AGT CTT GCT AAG	1613
Val Thr Lys Asn Glu Arg Gln Thr Arg Ile Arg Asp Ser Leu Ala Lys	
475 480 485	
TCT TTC CTT ACT AAA AAA GTT AAG GGC AAG ATA ATA ACC ACT CCC CTT	1661
Ser Phe Leu Thr Lys Lys Val Lys Gly Lys Ile Ile Thr Thr Pro Leu	
490 495 500	



TTC TAT GAA ATA GGC AGA GCG ACA AGT GAG AAT ATT CCA GAA GAA GAG	1709
Phe Tyr Glu Ile Gly Arg Ala Thr Ser Glu Asn Ile Pro Glu Glu Glu	
505 510 515	
GTT CTC AAG GGA GAG CTC GCT GGC ATA CTA TTG GCT GAA GGA ACG CTC	1757
Val Leu Lys Gly Glu Leu Ala Gly Ile Leu Leu Ala Glu Gly Thr Leu	
520 525 530	
TTG AGG AAA GAC GTT GAA TAC TTT GAT TCA TCC CGC AAA AAA CGG AGG	1805
Leu Arg Lys Asp Val Glu Tyr Phe Asp Ser Ser Arg Lys Lys Arg Arg	
535 540 545 550	
ATT TCA CAC CAG TAT CGT GTT GAG ATA ACC ATT GGG AAA GAC GAG GAG	1853
Ile Ser His Gln Tyr Arg Val Glu Ile Thr Ile Gly Lys Asp Glu Glu	
555 560 565	
GAG TTT AGG GAT CGT ATC ACA TAC ATT TTT GAG CGT TTG TTT GGG ATT	1901
Glu Phe Arg Asp Arg Ile Thr Tyr Ile Phe Glu Arg Leu Phe Gly Ile	
570 575 580	
ACT CCA AGC ATC TCG GAG AAG AAA GGA ACT AAC GCA GTA ACA CTC AAA	1949
Thr Pro Ser Ile Ser Glu Lys Lys Gly Thr Asn Ala Val Thr Leu Lys	
585 590 595	
GTT GCG AAG AAG AAT GTT TAT CTT AAA GTC AAG GAA ATT ATG GAC AAC	1997
Val Ala Lys Lys Asn Val Tyr Leu Lys Val Lys Glu Ile Met Asp Asn	
600 605 610	
ATA GAG TCC CTA CAT GCC CCC TCG GTT CTC AGG GGA TTC TTC GAA GGC	2045
Ile Glu Ser Leu His Ala Pro Ser Val Leu Arg Gly Phe Phe Glu Gly	
615 620 625 630	
GAC GGT TCA GTA AAC AGG GTT AGG AGG AGT ATT GTT GCA ACC CAG GGT	2093
Asp Gly Ser Val Asn Arg Val Arg Arg Ser Ile Val Ala Thr Gln Gly	
635 640 645	
ACA AAG AAC GAG TGG AAG ATT AAA CTG GTG TCA AAA CTG CTC TCC CAG	2141
Thr Lys Asn Glu Trp Lys Ile Lys Leu Val Ser Lys Leu Leu Ser Gln	
650 655 660	
CTT GGT ATC CCT CAT CAA ACG TAC ACG TAT CAG TAT CAG GAA AAT GGG	2189
Leu Gly Ile Pro His Gln Thr Tyr Thr Tyr Gln Tyr Gln Glu Asn Gly	
665 670 675	
AAA GAT CGG AGC AGG TAT ATA CTG GAG ATA ACT GGA AAG GAC GGA TTG	2237
Lys Asp Arg Ser Arg Tyr Ile Leu Glu Ile Thr Gly Lys Asp Gly Leu	
680 685 690	
ATA CTG TTC CAA ACA CTC ATT GGA TTC ATC AGT GAA AGA AAG AAC GCT	2285
Ile Leu Phe Gln Thr Leu Ile Gly Phe Ile Ser Glu Arg Lys Asn Ala	
695 700 705 710	
CTG CTT AAT AAG GCA ATA TCT CAG AGG GAA ATG AAC AAC TTG GAA AAC	2333
Leu Leu Asn Lys Ala Ile Ser Gln Arg Glu Met Asn Asn Leu Glu Asn	
715 720 725	
AAT GGA TTT TAC AGG CTC AGT GAA TTC AAT GTC AGC ACG GAA TAC TAT	2381
Asn Gly Phe Tyr Arg Leu Ser Glu Phe Asn Val Ser Thr Glu Tyr Tyr	
730 735 740	
GAG GGC AAG GTC TAT GAC TTA ACT CTT GAA GGA ACT CCC TAC TAC TTT	2429
Glu Gly Lys Val Tyr Asp Leu Thr Leu Glu Gly Thr Pro Tyr Tyr Phe	
745 750 755	
GCC AAT GGC ATA TTG ACC CAT AAC TCC CTG TAC CCC TCA ATC ATC ATC	2477
Ala Asn Gly Ile Leu Thr His Asn Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ile Ile	

760	765	770	
ACC CAC AAC GTC TCG CCG GAT ACG CTC AAC AGA GAA GGA TGC AAG GAA			2525
Thr His Asn Val Ser Pro Asp Thr Leu Asn Arg Glu Gly Cys Lys Glu			
775	780	785	790
TAT GAC GTT GCC CCA CAG GTC GGC CAC CGC TTC TGC AAG GAC TTC CCA			2573
Tyr Asp Val Ala Pro Gln Val Gly His Arg Phe Cys Lys Asp Phe Pro			
795	800	805	
GGA TTT ATC CCG AGC CTG CTT GGA GAC CTC CTA GAG GAG AGG CAG AAG			2621
Gly Phe Ile Pro Ser Leu Leu Gly Asp Leu Leu Glu Glu Arg Gln Lys			
810	815	820	
ATA AAG AAG AAG ATG AAG GCC ACG ATT GAC CCG ATC GAG AGG AAG CTC			2669
Ile Lys Lys Lys Met Lys Ala Thr Ile Asp Pro Ile Glu Arg Lys Leu			
825	830	835	
CTC GAT TAC AGG CAG AGG GCC ATC AAG ATC CTG GCA AAC AGC ATC CTA			2717
Leu Asp Tyr Arg Gln Arg Ala Ile Lys Ile Leu Ala Asn Ser Ile Leu			
840	845	850	
CCC GAG GAA TGG CTT CCA GTC CTC GAG GAA GGG GAG GTT CAC TTC GTC			2765
Pro Glu Glu Trp Leu Pro Val Leu Glu Glu Gly Glu Val His Phe Val			
855	860	865	870
AGG ATT GGA GAG CTC ATA GAC CGG ATG ATG GAG GAA AAT GCT GGG AAA			2813
Arg Ile Gly Glu Leu Ile Asp Arg Met Met Glu Glu Asn Ala Gly Lys			
875	880	885	
GTA AAG AGA GAG GGC GAG ACG GAA GTG CTT GAG GTC AGT GGG CTT GAA			2861
Val Lys Arg Glu Gly Glu Thr Glu Val Leu Glu Val Ser Gly Leu Glu			
890	895	900	
GTC CCG TCC TTT AAC AGG AGA ACT AAC AAG GCC GAG CTC AAG AGA GTA			2909
Val Pro Ser Phe Asn Arg Arg Thr Asn Lys Ala Glu Leu Lys Arg Val			
905	910	915	
AAG GCC CTG ATT AGG CAC GAT TAT TCT GGC AAG GTC TAC ACC ATC AGA			2957
Lys Ala Leu Ile Arg His Asp Tyr Ser Gly Lys Val Tyr Thr Ile Arg			
920	925	930	
CTG AAG TCG GGG AGG AGA ATA AAG ATA ACC TCT GGC CAC AGC CTC TTC			3005
Leu Lys Ser Gly Arg Arg Ile Lys Ile Thr Ser Gly His Ser Leu Phe			
935	940	945	950
TCT GTG AGA AAC GGG GAG CTC GTT GAA GTT ACG GGC GAT GAA CTA AAG			3053
Ser Val Arg Asn Gly Glu Leu Val Glu Val Thr Gly Asp Glu Leu Lys			
955	960	965	
CCA GGT GAC CTC GTT GCA GTC CCG CGG AGA TTG GAG CTT CCT GAG AGA			3101
Pro Gly Asp Leu Val Ala Val Pro Arg Arg Leu Glu Leu Pro Glu Arg			
970	975	980	
AAC CAC GTG CTG AAC CTC GTT GAA CTG CTC CTT GGA ACG CCA GAA GAA			3149
Asn His Val Leu Asn Leu Val Glu Leu Leu Leu Gly Thr Pro Glu Glu			
985	990	995	
GAA ACT TTG GAC ATC GTC ATG ACG ATC CCA GTC AAG GGT AAG AAG AAC			3197
Glu Thr Leu Asp Ile Val Met Thr Ile Pro Val Lys Gly Lys Lys Asn			
1000	1005	1010	
TTC TTT AAA GGG ATG CTC AGG ACT TTG CGC TGG ATT TTC GGA GAG GAA			3245
Phe Phe Lys Gly Met Leu Arg Thr Leu Arg Trp Ile Phe Gly Glu Glu			
1015	1020	1025	1030
AAG AGG CCC AGA ACC GCG AGA CGC TAT CTC AGG CAC CTT GAG GAT CTG			3293

Lys	Arg	Pro	Arg	Thr	Ala	Arg	Arg	Tyr	Leu	Arg	His	Leu	Glu	Asp	Leu		
1035					1040					1045							
GGC	TAT	GTC	CGG	CTT	AAG	AAG	ATC	GGC	TAC	GAA	GTC	CTC	GAC	TGG	GAC	3341	
Gly	Tyr	Val	Arg	Leu	Lys	Lys	Ile	Gly	Tyr	Glu	Val	Leu	Asp	Trp	Asp		
1050					1055					1060							
TCA	CTT	AAG	AAC	TAC	AGA	AGG	CTC	TAC	GAG	GCG	CTT	GTC	GAG	AAC	GTC	3389	
Ser	Leu	Lys	Asn	Tyr	Arg	Arg	Leu	Tyr	Glu	Ala	Leu	Val	Glu	Asn	Val		
1065					1070					1075							
AGA	TAC	AAC	GGC	AAC	AAG	AGG	GAG	TAC	CTC	GTT	GAA	TTC	AAT	TCC	ATC	3437	
Arg	Tyr	Asn	Gly	Asn	Lys	Arg	Glu	Tyr	Leu	Val	Glu	Phe	Asn	Ser	Ile		
1080					1085					1090							
CGG	GAT	GCA	GTT	GGC	ATA	ATG	CCC	CTA	AAA	GAG	CTG	AAG	GAG	TGG	AAG	3485	
Arg	Asp	Ala	Val	Gly	Ile	Met	Pro	Leu	Lys	Glu	Leu	Lys	Glu	Trp	Lys		
1095					1100					1105					1110		
ATC	GGC	ACG	CTG	AAC	GGC	TTC	AGA	ATG	AGA	AAG	CTC	ATT	GAA	GTG	GAC	3533	
Ile	Gly	Thr	Leu	Asn	Gly	Phe	Arg	Met	Arg	Lys	Leu	Ile	Glu	Val	Asp		
1115					1120					1125							
GAG	TCG	TTA	GCA	AAG	CTC	CTC	GGC	TAC	TAC	GTG	AGC	GAG	GGC	TAT	GCA	3581	
Glu	Ser	Leu	Ala	Lys	Leu	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Val	Ser	Glu	Gly	Tyr	Ala		
1130					1135					1140							
AGA	AAG	CAG	AGG	AAT	CCC	AAA	AAC	GGC	TGG	AGC	TAC	AGC	GTG	AAG	CTC	3629	
Arg	Lys	Gln	Arg	Asn	Pro	Lys	Asn	Gly	Trp	Ser	Tyr	Ser	Val	Lys	Leu		
1145					1150					1155							
TAC	AAC	GAA	GAC	CCT	GAA	GTG	CTG	GAC	GAT	ATG	GAG	AGA	CTC	GCC	AGC	3677	
Tyr	Asn	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Leu	Asp	Asp	Met	Glu	Arg	Leu	Ala	Ser		
1160					1165					1170							
AGG	TTT	TTC	GGG	AAG	GTG	AGG	CGG	GGC	AGG	AAC	TAC	GTT	GAG	ATA	CCG	3725	
Arg	Phe	Phe	Gly	Lys	Val	Arg	Arg	Gly	Arg	Asn	Tyr	Val	Glu	Ile	Pro		
1175					1180					1185					1190		
AAG	AAG	ATC	GGC	TAC	CTG	CTC	TTT	GAG	AAC	ATG	TGC	GGT	GTC	CTA	GCG	3773	
Lys	Lys	Ile	Gly	Tyr	Leu	Leu	Phe	Glu	Asn	Met	Cys	Gly	Val	Leu	Ala		
1195					1200					1205							
GAG	AAC	AAG	AGG	ATT	CCC	GAG	TTC	GTC	TTC	ACG	TCC	CCG	AAA	GGG	GTT	3821	
Glu	Asn	Lys	Arg	Ile	Pro	Glu	Phe	Val	Phe	Thr	Ser	Pro	Lys	Gly	Val		
1210					1215					1220							
CGG	CTG	GCC	TTC	CTT	GAG	GGG	TAC	TCA	TCG	GCG	ATG	GCG	ACG	TCC	ACC	3869	
Arg	Leu	Ala	Phe	Leu	Glu	Gly	Tyr	Ser	Ser	Ala	Met	Ala	Thr	Ser	Thr		
1225					1230					1235							
GAA	CAA	GAG	ACT	CAG	GCT	CTC	AAC	GAA	AAG	CGA	GCT	TTA	GCG	AAC	CAG	3917	
Glu	Gln	Glu	Thr	Gln	Ala	Leu	Asn	Glu	Lys	Arg	Ala	Leu	Ala	Asn	Gln		
1240					1245					1250							
CTC	GTC	CTC	CTC	TTG	AAC	TCG	GTG	GGG	GTC	TCT	GCT	GTA	AAA	CTT	GGG	3965	
Leu	Val	Leu	Leu	Leu	Asn	Ser	Val	Gly	Val	Ser	Ala	Val	Lys	Leu	Gly		
1255					1260					1265					1270		
CAC	GAC	AGC	GGC	GTT	TAC	AGG	GTC	TAT	ATA	AAC	GAG	GAG	CTC	CCG	TTC	4013	
His	Asp	Ser	Gly	Val	Tyr	Arg	Val	Tyr	Ile	Asn	Glu	Glu	Leu	Pro	Phe		
1275					1280					1285							
GTA	AAG	CTG	GAC	AAG	AAA	AAG	AAC	GCC	TAC	TAC	TCA	CAC	GTG	ATC	CCC	4061	
Val	Lys	Leu	Asp	Lys	Lys	Lys	Asn	Ala	Tyr	Tyr	Ser	His	Val	Ile	Pro		
1290					1295					1300							

AAG GAA GTC CTG AGC GAG GTC TTT GGG AAG GTT TTC CAG AAA AAC GTC	4109
Lys Glu Val Leu Ser Glu Val Phe Gly Lys Val Phe Gln Lys Asn Val	
1305 1310 1315	
AGT CCT CAG ACC TTC AGG AAG ATG GTC GAG GAC GGA AGA CTC GAT CCC	4157
Ser Pro Gln Thr Phe Arg Lys Met Val Glu Asp Gly Arg Leu Asp Pro	
1320 1325 1330	
GAA AAG GCC CAG AGG CTC TCC TGG CTC ATT GAG GGG GAC GTA GTG CTC	4205
Glu Lys Ala Gln Arg Leu Ser Trp Leu Ile Glu Gly Asp Val Val Leu	
1335 1340 1345 1350	
GAC CGC GTT GAG TCC GTT GAT GTG GAA GAC TAC GAT GGT TAT GTC TAT	4253
Asp Arg Val Glu Ser Val Asp Val Glu Asp Tyr Asp Gly Tyr Val Tyr	
1355 1360 1365	
GAC CTG AGC GTC GAG GAC AAC GAG AAC TTC CTC GTT GGC TTT GGG TTG	4301
Asp Leu Ser Val Glu Asp Asn Glu Asn Phe Leu Val Gly Phe Gly Leu	
1370 1375 1380	
GTC TAT GCT CAC AAC AGC TAC TAC GGT TAC TAC GGC TAT GCA AGG GCG	4349
Val Tyr Ala His Asn Ser Tyr Tyr Gly Tyr Tyr Gly Tyr Ala Arg Ala	
1385 1390 1395	
CGC TGG TAC TGC AAG GAG TGT GCA GAG AGC GTA ACG GCC TGG GGA AGG	4397
Arg Trp Tyr Cys Lys Glu Cys Ala Glu Ser Val Thr Ala Trp Gly Arg	
1400 1405 1410	
GAG TAC ATA ACG ATG ACC ATC AAG GAG ATA GAG GAA AAG TAC GGC TTT	4445
Glu Tyr Ile Thr Met Thr Ile Lys Glu Ile Glu Glu Lys Tyr Gly Phe	
1415 1420 1425 1430	
AAG GTA ATC TAC AGC GAC ACC GAC GGA TTT TTT GCC ACA ATA CCT GGA	4493
Lys Val Ile Tyr Ser Asp Thr Asp Gly Phe Phe Ala Thr Ile Pro Gly	
1435 1440 1445	
GCC GAT GCT GAA ACC GTC AAA AAG AAG GCT ATG GAG TTC CTC AAC TAT	4541
Ala Asp Ala Glu Thr Val Lys Lys Lys Ala Met Glu Phe Leu Asn Tyr	
1450 1455 1460	
ATC AAC GCC AAA CTT CCG GGC GCG CTT GAG CTC GAG TAC GAG GGC TTC	4589
Ile Asn Ala Lys Leu Pro Gly Ala Leu Glu Leu Glu Tyr Glu Gly Phe	
1465 1470 1475	
TAC AAA CGC GGC TTC TTC GTC ACG AAG AAG AAG TAT GCG GTG ATA GAC	4637
Tyr Lys Arg Gly Phe Phe Val Thr Lys Lys Lys Tyr Ala Val Ile Asp	
1480 1485 1490	
GAG GAA GGC AAG ATA ACA ACG CGC GGA CTT GAG ATT GTG AGG CGT GAC	4685
Glu Glu Gly Lys Ile Thr Thr Arg Gly Leu Glu Ile Val Arg Arg Asp	
1495 1500 1505 1510	
TGG AGC GAG ATA GCG AAA GAG ACG CAG GCG AGG GTT CTT GAA GCT TTG	4733
Trp Ser Glu Ile Ala Lys Glu Thr Gln Ala Arg Val Leu Glu Ala Leu	
1515 1520 1525	
CTA AAG GAC GGT GAC GTC GAG AAG GCC GTG AGG ATA GTC AAA GAA GTT	4781
Leu Lys Asp Gly Asp Val Glu Lys Ala Val Arg Ile Val Lys Glu Val	
1530 1535 1540	
ACC GAA AAG CTG AGC AAG TAC GAG GTT CCG CCG GAG AAG CTG GTG ATC	4829
Thr Glu Lys Leu Ser Lys Tyr Glu Val Pro Pro Glu Lys Leu Val Ile	
1545 1550 1555	
CAC GAG CAG ATA ACG AGG GAT TTA AAG GAC TAC AAG GCA ACC GGT CCC	4877
His Glu Gln Ile Thr Arg Asp Leu Lys Asp Tyr Lys Ala Thr Gly Pro	

1560	1565	1570	
CAC GTT GCC GTT GCC AAG AGG TTG GCC GCG AGA GGA GTC AAA ATA CGC			4925
His Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Ala Ala Arg Gly Val Lys Ile Arg			
1575	1580	1585	1590
CCT GGA ACG GTG ATA AGC TAC ATC GTG CTC AAG GGC TCT GGG AGG ATA			4973
Pro Gly Thr Val Ile Ser Tyr Ile Val Leu Lys Gly Ser Gly Arg Ile			
1595	1600	1605	
GGC GAC AGG GCG ATA CCG TTC GAC GAG TTC GAC CCG ACG AAG CAC AAG			5021
Gly Asp Arg Ala Ile Pro Phe Asp Glu Phe Asp Pro Thr Lys His Lys			
1610	1615	1620	
TAC GAC GCC GAG TAC TAC ATT GAG AAC CAG GTT CTC CCA GCC GTT GAG			5069
Tyr Asp Ala Glu Tyr Tyr Ile Glu Asn Gln Val Leu Pro Ala Val Glu			
1625	1630	1635	
AGA ATT CTG AGA GCC TTC GGT TAC CGC AAG GAA GAC CTG CGC TAC CAG			5117
Arg Ile Leu Arg Ala Phe Gly Tyr Arg Lys Glu Asp Leu Arg Tyr Gln			
1640	1645	1650	
AAG ACG AGA CAG GTT GGT TTG AGT GCT TGG CTG AAG CCG AAG GGA ACT			5165
Lys Thr Arg Gln Val Gly Leu Ser Ala Trp Leu Lys Pro Lys Gly Thr			
1655	1660	1665	1670
TGACCTTTCC ATTTGTTTT CAGCGGATAA CCCTTTAACT TCCCTTTCAA AAACCTCCT			5225
TAGGGAAAGA CCATGAAGAT AGAAATCCGG CGGCGCCCGG TTAAATACGC TAGGATAGA			5285
GTGAAGCCAG ACGGCAGGGT AGTCGTCACT GCCCCGAGGG TTCAACGTG AGAAGTT			5342

【0032】配列番号2

トポロジー：直鎖状

配列の長さ：774

配列の種類：タンパク質

配列の型：アミノ酸

配列

Met	Ile	Leu	Asp	Thr	Asp	Tyr	Ile	Thr	Glu	Asp	Gly	Lys	Pro	Val	Ile
1				5					10					15	
Arg	Ile	Phe	Lys	Lys	Glu	Asn	Gly	Glu	Phe	Lys	Ile	Glu	Tyr	Asp	Arg
			20					25					30		
Thr	Phe	Glu	Pro	Tyr	Phe	Tyr	Ala	Leu	Leu	Lys	Asp	Asp	Ser	Ala	Ile
		35					40				45				
Glu	Glu	Val	Lys	Lys	Ile	Thr	Ala	Glu	Arg	His	Gly	Thr	Val	Val	Thr
	50				55				60						
Val	Lys	Arg	Val	Glu	Lys	Val	Gln	Lys	Lys	Phe	Leu	Gly	Arg	Pro	Val
	65			70					75				80		
Glu	Val	Trp	Lys	Leu	Tyr	Phe	Thr	His	Pro	Gln	Asp	Val	Pro	Ala	Ile
			85					90				95			
Arg	Asp	Lys	Ile	Arg	Glu	His	Gly	Ala	Val	Ile	Asp	Ile	Tyr	Glu	Tyr
	100						105				110				
Asp	Ile	Pro	Phe	Ala	Lys	Arg	Tyr	Leu	Ile	Asp	Lys	Gly	Leu	Val	Pro
	115						120				125				
Met	Glu	Gly	Asp	Glu	Glu	Leu	Lys	Met	Leu	Ala	Phe	Asp	Ile	Gln	Thr
	130					135				140					
Leu	Tyr	His	Glu	Gly	Glu	Glu	Phe	Ala	Glu	Gly	Pro	Ile	Leu	Met	Ile
	145			150					155				160		
Ser	Tyr	Ala	Asp	Glu	Glu	Gly	Ala	Arg	Val	Ile	Thr	Trp	Lys	Asn	Val
			165					170				175			
Asp	Leu	Pro	Tyr	Val	Asp	Val	Val	Ser	Thr	Glu	Arg	Glu	Met	Ile	Lys
	180						185					190			

Arg Phe Leu Arg Val Val Lys Glu Lys Asp Pro Asp Val Leu Ile Thr  
 195 200 205  
 Tyr Asn Gly Asp Asn Phe Asp Phe Ala Tyr Leu Lys Lys Arg Cys Glu  
 210 215 220  
 Lys Leu Gly Ile Asn Phe Ala Leu Gly Arg Asp Gly Ser Glu Pro Lys  
 225 230 235 240  
 Ile Gln Arg Met Gly Asp Arg Phe Ala Val Glu Val Lys Gly Arg Ile  
 245 250 255  
 His Phe Asp Leu Tyr Pro Val Ile Arg Arg Thr Ile Asn Leu Pro Thr  
 260 265 270  
 Tyr Thr Leu Glu Ala Val Tyr Glu Ala Val Phe Gly Gln Pro Lys Glu  
 275 280 285  
 Lys Val Tyr Ala Glu Glu Ile Thr Pro Ala Trp Glu Thr Gly Glu Asn  
 290 295 300  
 Leu Glu Arg Val Ala Arg Tyr Ser Met Glu Asp Ala Lys Val Thr Tyr  
 305 310 315 320  
 Glu Leu Gly Lys Glu Phe Leu Pro Met Glu Ala Gln Leu Ser Arg Leu  
 325 330 335  
 Ile Gly Gln Ser Leu Trp Asp Val Ser Arg Ser Ser Thr Gly Asn Leu  
 340 345 350  
 Val Glu Trp Phe Leu Leu Arg Lys Ala Tyr Glu Arg Asn Glu Leu Ala  
 355 360 365  
 Pro Asn Lys Pro Asp Glu Lys Glu Leu Ala Arg Arg Arg Gln Ser Tyr  
 370 375 380  
 Glu Gly Gly Tyr Val Lys Glu Pro Glu Arg Gly Leu Trp Glu Asn Ile  
 385 390 395 400  
 Val Tyr Leu Asp Phe Arg Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ile Ile Thr His  
 405 410 415  
 Asn Val Ser Pro Asp Thr Leu Asn Arg Glu Gly Cys Lys Glu Tyr Asp  
 420 425 430  
 Val Ala Pro Gln Val Gly His Arg Phe Cys Lys Asp Phe Pro Gly Phe  
 435 440 445  
 Ile Pro Ser Leu Leu Gly Asp Leu Leu Glu Glu Arg Gln Lys Ile Lys  
 450 455 460  
 Lys Lys Met Lys Ala Thr Ile Asp Pro Ile Glu Arg Lys Leu Leu Asp  
 465 470 475 480  
 Tyr Arg Gln Arg Ala Ile Lys Ile Leu Ala Asn Ser Tyr Tyr Gly Tyr  
 485 490 495  
 Tyr Gly Tyr Ala Arg Ala Arg Trp Tyr Cys Lys Glu Cys Ala Glu Ser  
 500 505 510  
 Val Thr Ala Trp Gly Arg Glu Tyr Ile Thr Met Thr Ile Lys Glu Ile  
 515 520 525  
 Glu Glu Lys Tyr Gly Phe Lys Val Ile Tyr Ser Asp Thr Asp Gly Phe  
 530 535 540  
 Phe Ala Thr Ile Pro Gly Ala Asp Ala Glu Thr Val Lys Lys Lys Ala  
 545 550 555 560  
 Met Glu Phe Leu Asn Tyr Ile Asn Ala Lys Leu Pro Gly Ala Leu Glu  
 565 570 575  
 Leu Glu Tyr Glu Gly Phe Tyr Lys Arg Gly Phe Phe Val Thr Lys Lys  
 580 585 590

Lys Tyr Ala Val Ile Asp Glu Glu Gly Lys Ile Thr Thr Arg Gly Leu  
 595 600 605  
 Glu Ile Val Arg Arg Asp Trp Ser Glu Ile Ala Lys Glu Thr Gln Ala  
 610 615 620  
 Arg Val Leu Glu Ala Leu Leu Lys Asp Gly Asp Val Glu Lys Ala Val  
 625 630 635 640  
 Arg Ile Val Lys Glu Val Thr Glu Lys Leu Ser Lys Tyr Glu Val Pro  
 645 650 655  
 Pro Glu Lys Leu Val Ile His Glu Gln Ile Thr Arg Asp Leu Lys Asp  
 660 665 670  
 Tyr Lys Ala Thr Gly Pro His Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Ala Ala  
 675 680 685  
 Arg Gly Val Lys Ile Arg Pro Gly Thr Val Ile Ser Tyr Ile Val Leu  
 690 695 700  
 Lys Gly Ser Gly Arg Ile Gly Asp Arg Ala Ile Pro Phe Asp Glu Phe  
 705 710 715 720  
 Asp Pro Thr Lys His Lys Tyr Asp Ala Glu Tyr Tyr Ile Glu Asn Gln  
 725 730 735  
 Val Leu Pro Ala Val Glu Arg Ile Leu Arg Ala Phe Gly Tyr Arg Lys  
 740 745 750  
 Glu Asp Leu Arg Tyr Gln Lys Thr Arg Gln Val Gly Leu Ser Ala Trp  
 755 760 765  
 Leu Lys Pro Lys Gly Thr  
 770

【0033】配列番号3

配列の長さ：5342

配列の型：核酸（DNA）

鎖の数：2本鎖

トロポジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源：超好熱始原菌

株名：KOD1

## 配列

GCTTGAGGGC CTGCGGTTAT GGGACGTTGC AGTTTGCGCC TACTCAAAGA TGCCGGTTTT 60  
 ATAACGAGA AAAATGGGA GCTATTACGA TCTCTCTTG ATGTGGGTT TACAATAAAG 120  
 CCTGGATTGT TCTACAAGAT TATGGGGAT GAAAGATGAT CCTCGACACT GACTACATAA 180  
 CCGAGGATGG AAAGCCTGTC ATAAGAATTT TCAAGAAGGA AAACGGCGAG TTAAAGATTG 240  
 AGTACGACCG GACTTTTGAA CCCTACTTCT ACGCCCTCCT GAAGGACGAT TCTGCCATTG 300  
 AGGAAGTCAA GAAGATAACC GCCGAGAGGC ACGGACGCT TGTAACGTT AAGCGGGTTG 360  
 AAAAGTTCA GAAGAAGTTC CTCGGGAGAC CAGTTGAGGT CTGAAACTC TACTTTACTC 420  
 ATCCGCAGGA CGTCCAGCG ATAAGGACA AGATACGAGA GCATGGAGCA GTTATTGACA 480  
 TCTACGAGTA CGACATACCC TTCGCCAAGC GCTACCTCAT AGACAAGGA TTAGTGCCAA 540  
 TGGAAGCGCA CGAGGAGCTG AAAATGCTCG CCTTCGACAT TCAAACCTC TACCATGAGG 600  
 GCGAGGAGTT CGCCGAGGG CCAATCCTTA TGATAAGCTA CGCCGACGAG GAAGGGGCA 660  
 GGGTGATAAC TTGAAGAAC GTGGATCTCC CCTACGTTGA CGTCGTCTCG ACGGAGAGGG 720  
 AGATGATAAA GCGCTTCCTC CGTGTGTGTA AGGAGAAAGA CCCGACGTT CTCATAACCT 780  
 ACAACGGCGA CAACTTCGAC TTCGCCTATC TGA AAAAGCG CTGTGAAAAG CTCGAATAA 840  
 ACTTCGCCCT CGGAAGGAT GGAAGCGAGC CGAAGATTCA GAGGATGGC GACAGGTTG 900  
 CCGTCGAAGT GAAGGGACGG ATACACTTCG ATCTCTATCC TGTGATAAGA CGGACGATAA 960  
 ACCTGCCCAC ATACACGCTT GAGGCCGTTT ATGAAGCCGT CTTCGGTCAG CCGAAGGAGA 1020  
 AGGTTTACGC TGAGGAAATA ACACAGCCT GGGAAACCG CGAGAACCTT GAGAGAGTCG 1080  
 CCCGCTACTC GATGGAAGAT GCGAAGGTCA CATACGAGCT TGGGAAGGAG TTCCTTCCGA 1140  
 TGGAGGCCCA GCTTCTCGC TTAATCGGCC AGTCCCTCTG GACGCTCTCC CGCTCCAGCA 1200  
 CTGGCAACCT CGTTGAGTGG TTCCTCTCA GGAAGGCCCT ATGAGAGGAA TGAGCTGGCC 1260

CCGAACAAGC CCGATGAAAA GGAGCTGGCC AGAAGACGGC AGAGCTATGA AGGAGGCTAT 1320  
GTAAAGAGC CCGAGAGAGG GTTGTGGGAG AACATAGTGT ACCTAGATTT TAGATGCCAT 1380  
CCAGCCGATA CGAAGGTTGT CGTCAAGGGG AAGGGGATTA TAAACATCAG CGAGGTTTCAG 1440  
GAAGGTGACT ATGTCCTTGG GATTGACGGC TGGCAGAGAG TTAGAAAAGT ATGGGAATAC 1500  
GACTACAAAG GGGAGCTTGT AAACATAAAC GGGTTAAAGT GTACGCCCAA TCATAAGCTT 1560  
CCCGTTGTTA CAAAGAACGA ACGACAAACG AGAATAAGAG ACAGTCTTGC TAAGTCTTTC 1620  
CTTACTAAAA AAGTTAAGGG CAAGATAATA ACCACTCCCC TTTTCTATGA AATAGGCAGA, 1680  
GCGACAAGTG AGAATATTCC AGAAGAAGAG GTTCTCAAGG GAGAGCTCGC TGGCATAGTA, 1740  
TTGGCTGAAG GAACGCTCTT GAGGAAAGAC GTTGAATACT TTGATTCAATC CCGCAAAAAA 1800  
CGGAGGATTT CACACCAGTA TCGTGTGAG ATAACCATTG GGAAAGACGA GGAGGAGTTT 1860  
AGGGATCGTA TCACATACAT TTTTGAGCGT TTGTTTGGGA TTAATCCAAG CATCTCGGAG 1920  
AAGAAAGGAA CTAACGCAGT AACACTCAAA GTTGGCAAGA AGAATGTTTA TCTTAAAGTC 1980  
AAGGAAATTA TGGACAACAT AGAGTCCCTA CATGCCCCCT CGGTTCTCAG GGGATTCTTC 2040  
GAAGGCGACG GTTCAGTAAA CAGGTTAGGA GGAGTATTGT TGCAACCCAG GGTACAAAGA 2100  
ACGAGTGGAA GATTAAACTG GTGTCAAAAC TGCTCTCCCA GCTTGGTATC CCTCATCAAA 2160  
CGTACACGTA TCAGTATCAG GAAAATGGGA AAGATCGGAG CAGGTATATA CTGGAGATAA 2220  
CTGGAAGGA CGGATTGATA CTGTTCCAAA CACTCATTGG ATTCATCAGT GAAAGAAAGA 2280  
ACGCTCTGCT TAATAAGGCA ATATCTCAGA GGGAAATGAA CAACTTGGA AACAATGGAT 2340  
TTTACAGGCT CAGTGAATTC AATGTCAGCA CGGAATACTA TGAGGGCAAG GTCTATGACT 2400  
TAACTCTTGA AGGAACTCCC TACTTTGCCA ATGGCATATT GACCCATAAC TCCCTGTACC 2460  
CCTCAATCAT CATACCCAC AACGTCTCGC CGGATACGCT CAACAGAGAA GGATGCAAGG 2520  
AATATGACGT TGCCCCACAG GTCGGCCACC GCTTCTGCAA GGAATCCCA GGATTATCC 2580  
CGAGCCTGCT TGGAGACCTC CTAGAGGAGA GGCAGAAGAT AAAGAAGAAG ATGAAGGCCA 2640  
CGATTGACCC GATCGAGAGG AAGCTCCTCG ATTACAGGCA GAGGGCCATC AAGATCCTGG 2700  
CAAACAGCAT CCTACCCGAG GAATGGCTTC CAGTCCTCGA GGAAGGGGAG GTTCACTTCG 2760  
TCAGGATTGG AGAGCTCATA GACCGGATGA TGGAGGAAAA TGCTGGGAAA GTAAAGAGAG 2820  
AGGGCGAGAC GGAAGTGCTT GAGGTCAGTG GGCTTGAAGT CCCGTCCTTT AACAGGAGAA 2880  
CTAACAAGGC CGAGCTCAAG AGAGTAAAG CCCTGATTAG GCACGATTAT TCTGGCAAGG 2940  
TCTACACCAT CAGACTGAAG TCGGGGAGGA GAATAAAGAT AACCTCTGGC CACAGCCTCT 3000  
TCTCTGTGAG AAACGGGGAG CTCGTTGAAG TTACGGGCGA TGAATAAAG CCAGGTGACC 3060  
TCGTTGACGT CCCGCGGAGA TTGGAGCTTC CTGAGAGAAA CCACGTGCTG AACCTCGTTG 3120  
AACTGCTCCT TGGAACGCCA GAAGAAGAAA CTTTGGACAT CGTCATGACG ATCCCAGTCA 3180  
AGGGTAAGAA GAATCTCTTT AAAGGGATGC TCAGGACTTT GCGCTGGATT TTCGGAGAGG 3240  
AAAAGAGGCC CAGAACCGCG AGACGCTATC TCAGGCACCT TGAGGATCTG GGCTATGTCC 3300  
GGCTTAAGAA GATCGGCTAC GAAGTCCTCG ACTGGGACTC ACTTAAGAAC TACAGAAGGC 3360  
TCTACGAGGC GCTTGTGAG AACGTCAGAT ACAACGGCAA CAAGAGGGAG TACCTCGTTG 3420  
AATTCAATTC CATCCGGGAT GCAGTTGGCA TAATGCCCT AAAAGAGCTG AAGGAGTGGA 3480  
AGATCGGCAC GCTGAACGGC TTCAGAATGA GAAAGCTCAT TGAAGTGAC GAGTCGTTAG 3540  
CAAAGCTCCT CGGCTACTAC GTGAGCGAGG GCTATGCAAG AAAGCAGAGG AATCCCAAAA 3600  
ACGGCTGGAG CTACAGCGTG AAGCTCTACA ACCAAGACCC TGAAGTGCTG GACGATATGG 3660  
AGAGACTCGC CAGCAGGTTT TTCGGGAAGG TGAGGCGGGG CAGGAACCTAC GTTGAGATAC 3720  
CGAAGAAGAT CGGCTACCTG CTCTTTGAGA ACATGTGCGG TGTCTAGCG GAGAACAAGA 3780  
GGATTCCCGA GTTCGTCTTC ACGTCCCCGA AAGGGGTTTC, GCTGGCCTTC CTTGAGGGGT 3840  
ACTCATCGGC GATGGCGACG TCCACCGAAC AAGAGACTCA GGCTCTCAAC GAAAAGCGAG 3900  
CTTTAGCGAA CCAGCTCGTC CTCCTCTTGA ACTCGGTGGG GGTCTCTGCT GTAAAACTTG 3960  
GGCAGCACAG CGGCGTTTAC AGGGTCTATA TAAACGAGGA GCTCCCGTTC GTAAAGCTGG 4020  
ACAAGAAAAA GAACGCCTAC TACTCACACG TGATCCCCAA GGAAGTCCTG ACGGAGGTCT 4080  
TTGGGAAGGT TTTCAGAAA AACGTCAGTC CTCAGACCTT CAGGAAGATG GTCGAGGACG 4140  
GAAGACTCGA TCCCGAAAAG GCCCAGAGGC TCTCCTGGCT CATTGAGGGG GACGTAGTGC 4200  
TCGACCGCGT TGAGTCCGTT GATGTGGAAG ACTACGATGG TTATGTCTAT GACCTGAGCG 4260



TCGAGGACAA CGAGAACTTC CTCGTTGGCT TTGGGTGGT CTATGCTCAC AACAGCTACT 4320  
 ACGGTTACTA CGGCTATGCA AGGGCGCGCT GGTACTGCAA GGAGTGTGCA GAGAGCGTAA 4380  
 CGGCCTGGGG AAGGGAGTAC ATAACGATGA CCATCAAGGA GATAGAGGAA AAGTACGGCT 4440  
 TTAAGGTAAT CTACAGCGAC ACCGACGGAT TTTTGGCCAC AATACCTGGA GCCGATGCTG 4500  
 AAACCGTCAA AAAGAAGGCT ATGGAGTTCC TCAACTATAT CAACGCCAAA CTTCCGGGCG 4560  
 CGCTTGAGCT CGAGTACGAG GGCTTCTACA AACCGGGCTT CTTGCTCACG AAGAAGAAGT 4620  
 ATGCGGTGAT AGACGAGGAA GGCAAGATAA CAACGCGCG ACTTGAGATT GTGAGGCGTG 4680  
 ACTGGAGCGA GATAGCGAAA GAGACGCAGG CGAGGGTTCT TGAAGCTTTG CTAAAGGACG 4740  
 GTGACGTCGA GAAGGCCGTG AGGATAGTCA AAGAAGTTAC CGAAAAGCTG AGCAAGTACG 4800  
 AGGTTCCGCC GGAGAAGCTG GTGATCCACG AGCAGATAAC GAGGGATTTA AAGGACTACA 4860  
 AGGCAACCGG TCCCCACGTT GCCGTTGCCA AGAGGTTGGC CGCGAGAGGA GTCAAAATAC 4920  
 GCCCTGGAAC GGTGATAAGC TACATCGTGC TCAAGGGCTC TGGGAGGATA GGCACAGGG 4980  
 CGATACCGTT CGACGAGTTC GACCCGACGA AGCACAAGTA CGATGCCGAG TACTACATTG 5040  
 AGAACCAGGT TCTCCAGCC GTTGAGAGAA TTCTGAGAGC CTTGCGTTAC CGCAAGGAAG 5100  
 ACCTGCGCTA CCAGAAGACG AGACAGGTTG GTTTGAGTGC TTGGCTGAAG CCGAAGGGAA 5160  
 CTTGACCTTT CCATTTGTTT TCCAGCGGAT AACCTTTAA CTTCCCTTTC AAAAATCCC 5220  
 TTTAGGAAA GACCATGAAG ATAGAAATCC GGCGGCGCCC GGTAAATAC GCTAGGATAG 5280  
 AAGTGAAGCC AGACGCGCAG GTAGTCGTCA CTGCCCCGAG GGTCAACGT TGAGAAGTT 5339

## 【0034】配列番号4

配列の長さ: 24

配列の型: 核酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 合成DNA

## 配列

GGATTAGTGC CAATGGAAGG CGAC

24

## 【0035】配列番号5

配列の長さ: 24

配列の型: 核酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 合成DNA

## 配列

GAGGGCGAAG TTTATTCCGA GCTT

24

## 【0036】配列番号6

配列の長さ: 324

配列の型: 核酸 (DNA)

鎖の数: 2本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA

## 配列

GGATTAGTGC CAATGGAAGG CGACGAGGAG CTGAAAATGC TCGCCTTCGA CATTCAAAC 60  
 CTCTACCATG AGGGCGAGGA GTTCGCCGAG GGGCCAATCC TTATGATAAG CTACGCCGAC 120  
 GAGGAAGGGG CCAGGGTGAT AACTTGGAAG AACGTGGATC TCCCCTACGT TGACGTCGTC 180  
 TCGACGGAGA GGGAGATGAT AAAGCGCTTC CTCCGTGTTG TGAAGGAGAA AGACCCGAC 240  
 GTTCTCATAA CCTACAACGG CGACAACCTC GACTTCGCCT ATCTGAAAAA GCGCTGTGAA 300  
 AAGCTCGGAA TAACTTCGC CCTC 324

## 【0037】配列番号7

配列の長さ: 108

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: タンパク質

## 配列

Gly Leu Val Pro Met Glu Gly Asp Glu Glu Leu Lys Met Leu Ala Phe  
 1 5 10 15  
 Asp Ile Gln Thr Leu Tyr His Glu Gly Glu Glu Phe Ala Glu Gly Pro  
 20 25 30  
 Ile Leu Met Ile Ser Tyr Ala Asp Glu Glu Gly Ala Arg Val Ile Thr  
 35 40 45  
 Trp Lys Asn Val Asp Leu Pro Tyr Val Asp Val Val Ser Thr Glu Arg  
 50 55 60

Glu Met Ile Lys Arg Phe Leu Arg Val Val Lys Glu Lys Asp Pro Asp  
 65                      70                      75                      80  
 Val Leu Ile Thr Tyr Asn Gly Asp Asn Phe Asp Phe Ala Tyr Leu Lys  
                                  85                      90                      95  
 Lys Arg Cys Glu Lys Leu Gly Ile Asn Phe Ala Leu  
                                  100                      105

【0038】配列番号8

鎖の数：1本鎖

配列の長さ：42

配列の種類：合成DNA

配列の型：核酸（DNA）

配列

GCCATCAAGA TCCTGGCAAA CAGCTACTAC GGTACTACG GC 42

【0039】配列番号9

鎖の数：1本鎖

配列の長さ：32

配列の種類：合成DNA

配列の型：核酸（DNA）

配列

GATGGATCCA ACTTCTCAAC GTTGAACCCT CG 32

【0040】配列番号10

鎖の数：1本鎖

配列の長さ：46

配列の種類：合成DNA

配列の型：核酸（DNA）

配列

GAACATAGTG TACCTAGATT TTAGATCCCT GTACCCCTCA ATCATC 46

【0041】配列番号11

鎖の数：1本鎖

配列の長さ：42

配列の種類：合成DNA

配列の型：核酸（DNA）

配列

GCCGTAGTAA CCGTAGTAGC TGTTGCCAG GATCTTGATG GC 42

【0042】配列番号12

鎖の数：1本鎖

配列の長さ：33

配列の種類：合成DNA

配列の型：核酸（DNA）

配列

ATCGATATCC TCGACACTGA CTACATAACC GAG 33

【0043】配列番号13

鎖の数：1本鎖

配列の長さ：46

配列の種類：合成DNA

配列の型：核酸（DNA）

配列

GATGATTGAG GGGTACAGGG ATCTAAAATC TAGGTACACT ATGTTC 46

【図面の簡単な説明】

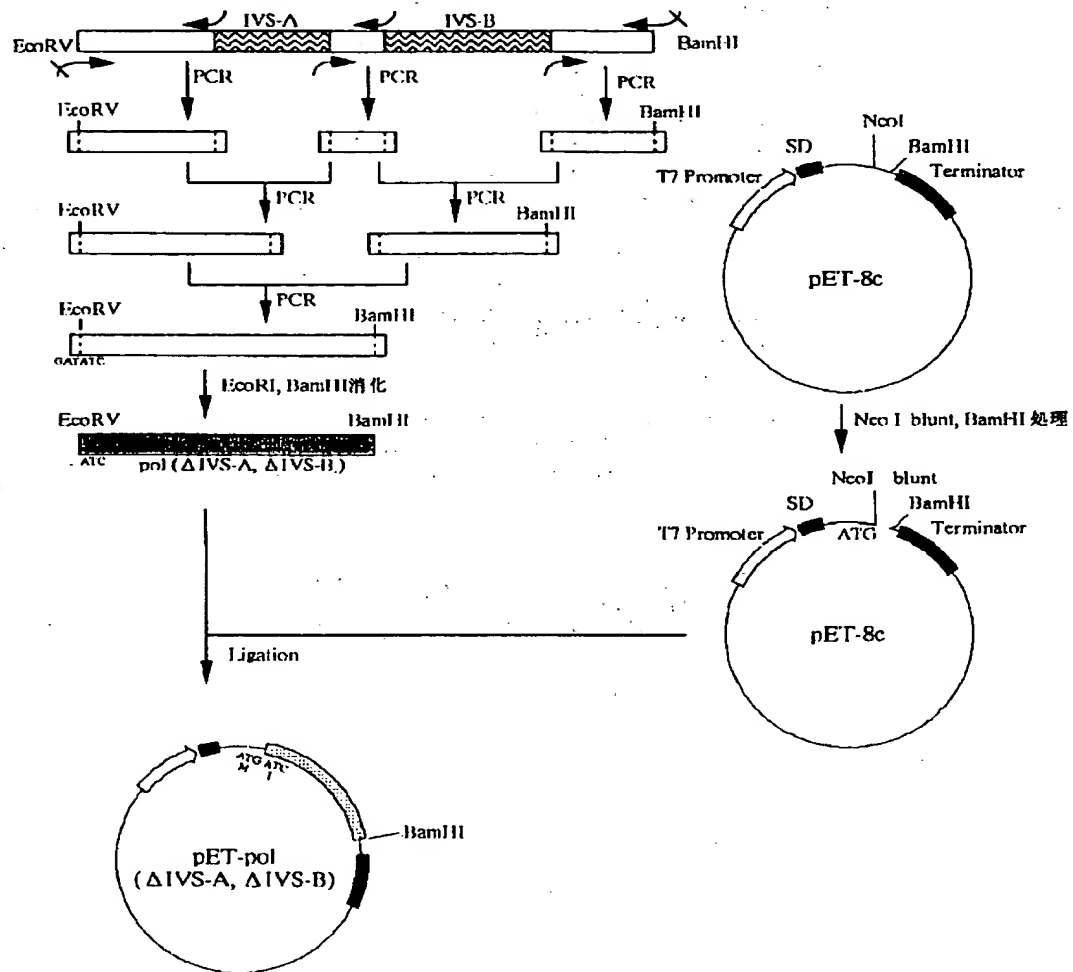
【図4】 超好熱始原菌KOD1由来のDNAポリメ

【図1】 組換え発現ベクターの構築図を示す。

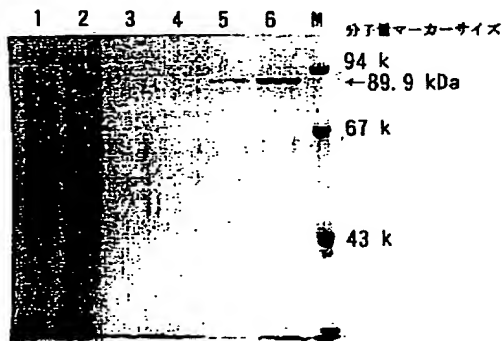
ラーゼ遺伝子と類縁菌と思われる *Pyrococcus furiosus* 由【図2】 KOD1由来耐熱性DNAポリメラーゼ分子  
量測定結果を示す電気泳動の写真である。来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子および *Thermococ-*【図3】 KOD1由来耐熱性DNAポリメラーゼによ  
るPCRの結果を示す電気泳動の写真である。cus *litoralis*由来の耐熱性DNAポリメラーゼ遺伝子と  
の比較を示す。

【図1】

## 発現組換えベクター (pET-pol) の構築



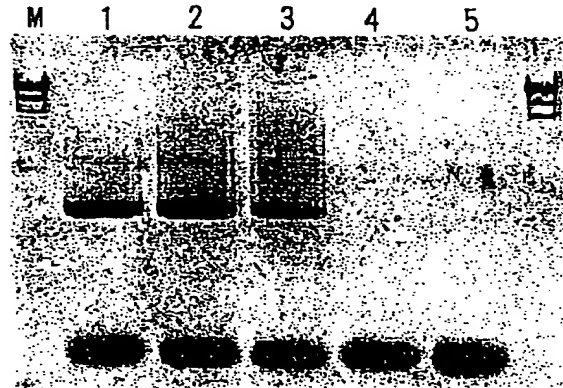
【図2】



- 1: pET-8c 沈殿  
 2: pET-pol( $\Delta$ IVS-A,  $\Delta$ IVS-B) 沈殿  
 3: pET-8c 上澄み  
 4: pET-8c 上澄み x5  
 5: pET-pol( $\Delta$ IVS-A,  $\Delta$ IVS-B) 上澄み  
 6: pET-pol( $\Delta$ IVS-A,  $\Delta$ IVS-B) 上澄み x5

組換え菌が生産する超好熱始原菌KOD1株由来  
 DNAポリメラーゼの分子量測定  
 (SDS-PAGE法)

【図3】

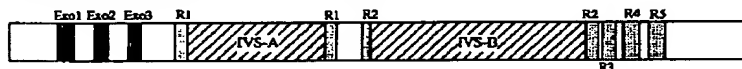


- 1: Vent ポリメラーゼ (*Thermococcus litoralis*由来)  
 2: pET-pol( $\Delta$ IVS-A,  $\Delta$ IVS-B)上澄み  
 3: pET-pol( $\Delta$ IVS-A,  $\Delta$ IVS-B)上澄み x 5  
 4: pET-8c 上澄み  
 5: pET-8c 上澄み x 5

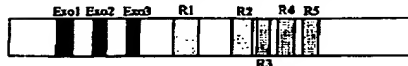
組換え菌が生産する超好熱始原菌KOD1株由来  
 DNAポリメラーゼを用いたPCR(Polymerase  
 Chain Reaction)により増幅されたDNA断片

【図4】

超好熱始原菌KOD1株のDNAポリメラーゼ遺伝子



*Pyrococcus furiosus*のDNAポリメラーゼ遺伝子 (Pfu DNA polymerase)



*Thermococcus litoralis*のDNAポリメラーゼ遺伝子 (Vent DNA polymerase)



超好熱始原菌KOD1株のDNAポリメラーゼ遺伝子と他の好熱性菌の  
 DNAポリメラーゼ遺伝子の比較

フロントページの続き

(51) Int. Cl. 6  
 C 1 2 R 1:19)  
 (C 1 2 N 1/21

識別記号 庁内整理番号 F I

技術表示箇所

C 1 2 R 1:19)